

;ID T24306 standard; cDNA to mRNA; 293 BP.
;XX
;AC T24306;
;DT 22-SEP-1996 (first entry)
;XX
;DE Human gene signature HUMGS06330.
;XX
;KW Gene signature; messenger RNA; mRNA; relative abundance; frequency;
;KW human; cloning; mapping; non-biased library; diagnosis; detection;
;KW cell typing; abnormal cell function; ss.
;XX
;OS Homo sapiens.
;XX
;PN WO9514772-A1.
;XX
;PD 01-JUN-1995.
;XX
;PF 11-NOV-1994; 94WO-JP01916.
;XX
;PR 12-NOV-1993; 93JP-0355504.
;XX
;PA (MATS/) MATSUBARA K.
;PA (OKUB/) OKUBO K.
;XX
;PI Matsubara K, Okubo K;
;XX
;DR WPI; 1995-206931/27.
;XX
;PT Identifying gene signatures in 3'-directed human cDNA library - e.g.
;PT for diagnosis of abnormal cell function, by preparing cDNA that
;PT reflects relative abundance of corresp. mRNA in specific human
;PT tissues
;XX
;PS Claim 1; Page 1579; 2245pp; Japanese.
;XX
;CC A single-stranded DNA (or its complementary strand or the corresp.
;CC double-stranded DNA) which comprises one of the 7837 "GS" sequences
;CC given in T19001-T26837 and which is able to hybridise to part of
;CC human genomic DNA, cDNA or mRNA is claimed. The GS (Gene Signature)
;CC sequences were obtained from 3'-directed cDNA libraries prepared
;CC from various human tissues; synthesis of cDNA was initiated from the
;CC 3'-end of mRNA by using poly(T) as the sole primer. Since the 3'-
;CC untranslated sequence is unique to a particular mRNA species, almost
;CC all the 3'-oriented cDNAs hybridise with specific mRNAs. Each library
;CC is constructed so as to reflect accurately the relative abundance of
;CC different mRNAs in the particular tissue from which it was derived.
;CC The appearance frequency of a given GS in a cDNA library can be
;CC determined (esp. using primers and probes derived from the GS
;CC sequences) as a means of diagnosing abnormal cell function or for
;CC recognising different cell types.
;XX
;SQ Sequence 293 BP; 81 A; 51 C; 51 G; 95 T; 15 other;
;
;
PSN_T24306
gatccaggccatnactaaccttatncnnnttggggaaattcgagcctagtcagaaaaacataaaggcacc
ttgaaaaaaactggcagcttcngataaagctgtctgtgcgtcgtgcagttagancacatcttatttg
tgtatgttgcgttattatcttaactctgtntccataacttgtataaatacatggatattttatgt
cagaggatgtcttcaaccagtccacttattgtntctggcaattnaaangangngtcagtaatnttt
tncttgtnaaagn1

PCT

世界知的所有権機関

国際事務局

特許協力条約に基づいて公開された国際出願



(51) 国際特許分類 C12N 15/11, C12Q 1/68 // G01N 33/566	A1	(11) 国際公開番号 WO 95/14772 (43) 国際公開日 1995年6月1日 (01.06.95)
(21) 国際出願番号 PCT/JP94/01916		
(22) 国際出願日 1994年11月11日(11.11.94)		
(30) 優先権データ 特願平5/355504 1993年11月12日(12.11.93) JP		(81) 指定国 AM, AU, BB, BG, BR, BY, CA, CN, CZ, EE, FI, GE, HU, JP, KG, KR, KZ, LK, LR, LT, LV, MD, MG, MN, NO, NZ, PL, RO, RU, SI, SK, TJ, TT, UA, US, UZ, VN, 歐州特許(AT, BE, CH, DE, DK, ES, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI特許(BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, ML, MR, NE, SN, TD, TG), ARIPO特許(KE, MW, SD, SZ).
(71) 出願人; および (72) 発明者 松原謙一(MATSUBARA, Kenichi)[JP/JP] 〒565 大阪府吹田市山田東3-18-1-804 Osaka, (JP) 大久保公策(OKUBO, Kousaku)[JP/JP] 〒562 大阪府箕面市瀬川2-11-26 Osaka, (JP)		添付公開書類 国際調査報告書 補正書
(74) 代理人 弁理士 吉田研二, 外(YOSHIDA, Kenji et al.) 〒180 東京都武蔵野市吉祥寺本町1丁目34番12号 Tokyo, (JP)		

(54) Title : GENE SIGNATURE

(54) 発明の名称 ジーン・シグナチャー

(57) Abstract

A 3'-directed cDNA library which accurately reflects the abundance ratio of mRNA in a cell has been prepared from various human tissues, and sequencing of the cDNAs contained in the library has been conducted to examine the incidence of each cDNA in each tissue. As each cDNA has expression information with each tissue corresponding to the mRNA concentration, these cDNAs are usable as a probe or primer for detecting cell anomaly or discriminating cells. The cloned gene can produce proteins utilizable as a medicine or the like.

種々のヒト組織から、mRNAの細胞内の存在割合を忠実に反映する3'指向cDNAライブラリーを作成した。該ライブラリーに含まれるcDNAを配列決定し、組織毎の各cDNAの出現頻度を調べた。各cDNAにはmRNA濃度に対応する組織毎の発現情報が付加されているので、該cDNAは、細胞の異常を検出したり細胞の識別をするためのプローブ・プライマーなどとして用いることができる。またクローニングされた遺伝子は、医薬品などに利用し得る蛋白質を产生可能である。

情報としての用途のみ

PCTに基づいて公開される国際出願をパンフレット第一頁にPCT加盟国を同定するために使用されるコード

AM アルメニア	E エストニア	L K スリランカ	R U ロシア連邦
AU オーストラリア	ES スペイン	L R スリバニア	DEG デンマーク
BB バルバドス	FFR フィンランド	L T リトアニア	S SU 丹麥
BEE ベルギー	GAB ガボン	L UV ルクセンブルグ	SHI シンガポール
BFG ブルガリア・ファソ	GBR イギリス	M C ラトヴィア	SLV サルベニエラ共和国
BG ブルガリア	GGN ギニア	M D モナコ	SGA セネガル
BR ベラルーシ	GGR ギニアビサウ	M G モルドバ	SLV セレベリンド
BY ベラルーシ	HUE ハンガリヤー	M L マダガスカル	T SD ティード
CAF カナダ	IIS アイスラーン	M N マリーナ	T T J タジキスタン
CGF 中央アフリカ共和国	IP 日本	M W マダガスカル	TM ドラクダード・トバゴ
CGH スイス・ジボアール	K EG ニニア	M Z メキシコ	UGG ウガンダ
CCI カメルーン	K GG キルギスタン	N L オランダ	USU 米国
CM 中国	K KP 朝鮮民主主義人民共和国	N O ノルウェー	UZU ウズベキスタン共和国
CN チャコ共和国	K R 大韓民国	N Z ニュージーランド	V VN ヴィエトナム

CATGAGCCAC TGTGTCGAC CCANACCTAC TANTGTTAAT NGANNTTTN TAACTNN 238

配列番号 : 5305

配列の長さ : 132

配列の型 : 核酸

トポロジー : 直鎖状

クローン名 : HUMGS06329

配列 :

GATCAACAGA GTGAGACCCC	TGTCTATATA TTNNNTAAAT	TTAAAAAATA AAAGANTAAA	60
ATTGTGTAGC TCAGTATAGT	ATCAAGATTA ATCTGCCCTAC	TCACATTCT ACACTTATA	120
NNANTGTAAT AN			132

配列番号 : 5306

配列の長さ : 293

配列の型 : 核酸

トポロジー : 直鎖状

クローン名 : HUMGS06330

配列 :

GATCCAGCCA TNACTAACCT ATNCNNNTT TGGGGAAATC	TGAGCCTAGC TCAGAAAAC	60
ATAAAGCAC TTGAAAAAAGA CTGGCAGCT TCCNGATAAA	GCGTGCTGTG CTGTGCAGTA	120
GGANCACATC CTATTATTG TGATGTTGTG GTTTTATTAT	CTTAAACTCT GNTCCATACA	180
CTTGTATAAA TACATGGATA TTTTATTA CAGAGGTATG	TCTCTTAACC AGTCACTTA	240
TTGTNCTCTG GCAATTAAA NGANNGTCAG TAAATTNTT	TNCTTGTNAAGN	293

配列番号 : 5307

配列の長さ : 228

配列の型 : 核酸

トポロジー : 直鎖状

クローン名 : HUMGS06331

配列 :

GATCAAACACCAGCAGAGTG CAAGCAGCAG	TGAAGCAGGA TGTATGTTGC CTTGAGGATA	60
ACCTINCACTG TAATAGCCTA AACACANCTC	TAATTTACTT ACAGCCTTAT	120
TGNCTTGTAA GACTAGGTTA TTTTTTTTA	AAGGNCAGGN GACGGNTATT	180
ATTTGTTCTA CGTAGCATNT TAACTAGTT	TNNNTGCCAGC NATGTTGN	228

配列番号 : 5308

配列の長さ : 113

配列の型 : 核酸

トポロジー : 直鎖状

クローン名 : HUMGS06332

配列 :

GATCCTTGAA GTTGCCCTGG	TCTCTGCACC TTCTAAACCT AGTTCTTAAG AGCTTCCAT	60
TACATGAGCT GTCTCAAAGC CCTCCAAATAA	ATCTCAGTG TAAGCTTCTG AAA	113

配列番号 : 5309